

**Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von
Viren der Familie *Mesoniviridae*
als Spender- oder Empfängerorganismen
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

Allgemeines

Im Jahr 2011 berichteten zwei Publikationen von der Isolierung von zwei neuen Viren aus Stechmücken, die in der Elfenbeinküste bzw. in Vietnam gefangen worden waren [1; 2]. Basierend auf der Morphologie der umhüllten Viruspartikel, der identischen Genomstruktur und der Anwesenheit von charakteristischen nidoviralen kodierenden Genomabschnitten, wurde für diese Viren im Jahr 2012 die Familie *Mesoniviridae* innerhalb der Ordnung *Nidovirales* etabliert [3; 4]. Neben dieser neuen Familie werden der Ordnung auch die Familien *Arteriviridae*, *Coronaviridae* und *Roniviridae* zugeordnet. Viren dieser Familien besitzen ein nicht-segmentiertes, einzelsträngiges RNA-Genom mit positiver Polarität.

In den folgenden Jahren wurden weitere Mesoniviren aus Stechmücken-Spezies u. a. der Gattungen *Aedes*, *Anopheles* und *Culex* isoliert. Diese stammten vorwiegend aus Asien und Afrika. Aufgrund der Vielzahl von möglichen Wirtsspezies für Mesoniviren und der globalen Verbreitung dieser Spezies wird auch von einer weiten geografischen Verbreitung dieser Viren ausgegangen [3; 5].

Gegenwärtig umfasst die Familie zwei Gattungen. Zum einen ist dies die Gattung *Alphamesonivirus* mit fünf Spezies. Zu der Spezies *Alphamesonivirus 1* gehören die Viren Nam Dinh virus (NDiV), Houston virus (Houston) und Cavally virus (CavV). CavV wurde von der ZKBS bereits in die **Risikogruppe 2** eingestuft. Die Spezies *Alphamesonivirus 2* umfasst die Viren Botang Baru virus (BBaV) und Karang Sari virus (KSaV). Zur Spezies *Alphamesonivirus 3* gehören die Viren Kamphang Phet virus (KPhV) und Dak Nong virus (DKNV). Den Spezies *Alphamesonivirus 4* und *5* ist jeweils nur ein Virus zugeordnet, das Hana virus (HanaV) bzw. das Casuarina virus (CASV). Die zweite, bisher nicht benannte Gattung umfasst die zwei Spezies *Mesonivirus 1* und *2*. Zu diesen gehören das Méno virus (MenoV) bzw. das Nsé virus (NseV) [6].

Mesoniviren sind bisher wenig charakterisiert, scheinen jedoch nicht mit Krankheiten des Menschen oder von Tieren assoziiert zu sein. Auch ihr Übertragungsweg ist bisher unbekannt. *In vitro* konnte die virale Replikation verschiedener Mesoniviren bisher nur in *Aedes*-Zelllinien gezeigt werden. Diese ging zum Teil mit einem erheblichen zytopathischen Effekt einher. Verschiedene Wirbeltierzelllinien des Menschen, Affen, Schweins, Hamsters, Huhns sowie der Katze und Fledermaus erwiesen sich jedoch als nicht permissiv für die getesteten Viren [5; 7]. In der ersten Studie zu CavV wurde dieses Virus allerdings nur aus weiblichen Stechmücken isoliert. Dies könnte darauf hinweisen, dass CavV neben dem Insektenwirt auch einen Wirbeltierwirt als *amplifying host* besitzt und über Vektoren übertragbar ist [1].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV werden die genannten Viren der Familie *Mesoniviridae* als Spender- und Empfängerorganismen für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

Zurzeit ist keine Erkrankung des Menschen oder von Tieren bekannt, die durch Viren der Familie *Mesoniviridae* verursacht wird. Eine Pathogenität für Wirbeltiere kann jedoch aufgrund der bisher unzureichenden Daten und des Hinweises auf einen Wirbeltierwirt nicht ausgeschlossen werden.

Literatur

1. **Zirkel F, Kurth A, Quan PL, Briese T, Ellerbrok H, Pauli G, Leendertz FH, Lipkin WI, Ziebuhr J, Drosten C, Junglen S.** 2011. An insect nidovirus emerging from a primary tropical rainforest. *MBio.* **2**(3):e00077-11.
2. **Nga PT, Parquet Mdel C, Lauber C, Parida M, Nabeshima T, Yu F, Thuy NT, Inoue S, Ito T, Okamoto K, Ichinose A, Snijder EJ, Morita K, Gorbalenya AE.** 2011. Discovery of the first insect nidovirus, a missing evolutionary link in the emergence of the largest RNA virus genomes. *PLoS Pathog.* **7**(9):e1002215.
3. **Lauber C, Ziebuhr J, Junglen S, Drosten C, Zirkel F, Nga PT, Morita K, Snijder EJ, Gorbalenya AE.** 2012. Mesoniviridae: a proposed new family in the order Nidovirales formed by a single species of mosquito-borne viruses. *Arch Virol.* **157**(8):1623-8.
4. ICTV Taxonomy Proposal 2011.001a-gl. <https://data.ictvonline.org/proposals/2011.001a-gl.A.v2.Mesoniviridae.pdf>
5. **Vasilakis N, Guzman H, Firth C, Forrester NL, Widen SG, Wood TG, Rossi SL, Ghedin E, Popov V, Blasdel KR, Walker PJ, Tesh RB.** 2014. Mesoniviruses are mosquito-specific viruses with extensive geographic distribution and host range. *Virology.* **11**:97.
6. ICTV Taxonomy Proposal 2014.004a,bS. https://data.ictvonline.org/proposals/2015.004a,bS.A.v2.Mesoniviridae_6sp.pdf
7. **Zirkel F, Roth H, Kurth A, Drosten C, Ziebuhr J, Junglen S.** 2013. Identification and characterization of genetically divergent members of the newly established family Mesoniviridae. *J Virol.* **87**(11):6346-58.